

# Métodos de optimización en redes bayesianas para el diagnóstico médico del cáncer en una revisión sistemática

Cristhian A Mamani Nina

January 2025

article [utf8]inputenc natbib  
0.0pt

## 1 Introducción

El diagnóstico temprano del cáncer es uno de los mayores retos en la medicina moderna. El cáncer, en sus diversas formas, es responsable de una gran cantidad de muertes en todo el mundo, lo que hace crucial el desarrollo de técnicas diagnósticas más precisas y eficaces. En este contexto, las redes bayesianas (NB) han emergido como una herramienta poderosa para modelar la incertidumbre y las relaciones probabilísticas entre diferentes factores de riesgo y síntomas clínicos. Estas redes permiten incorporar diversas fuentes de información, como antecedentes familiares, datos clínicos, resultados de imágenes médicas y biomarcadores genéticos, para realizar inferencias que ayuden en el diagnóstico y pronóstico del cáncer goehler2020.

El uso de las redes bayesianas en el diagnóstico del cáncer se ha explorado en diversas áreas, como el cáncer de mama, de pulmón y de colon, con el objetivo de mejorar la precisión diagnóstica. Por ejemplo, goehler2020 aplicaron redes bayesianas para integrar diferentes variables clínicas e imagenológicas en el diagnóstico de cáncer de mama, logrando una mejora en la exactitud diagnóstica y en la toma de decisiones clínicas. Además, las redes bayesianas también se han utilizado para predecir el riesgo de desarrollar cáncer de pulmón utilizando datos como el historial de tabaquismo y las radiografías, proporcionando una evaluación probabilística del riesgo li2019.

Además de su capacidad para manejar la incertidumbre, las redes bayesianas tienen la ventaja de permitir la integración de conocimiento experto mediante las probabilidades condicionales, lo que las hace especialmente útiles cuando se dispone de datos incompletos o ruidosos patel2021. Por ejemplo, en el caso del cáncer de colon, las redes bayesianas han sido utilizadas para modelar la interacción entre biomarcadores genéticos y otros factores de riesgo, mejorando la predicción del riesgo de cáncer de colon en pacientes patel2021.

El diagnóstico temprano y preciso del cáncer es fundamental para mejorar las tasas de supervivencia, y las redes bayesianas ofrecen un enfoque robusto para lograr este objetivo. Sin embargo, a pesar de su éxito en diversas aplicaciones, la optimización de las redes bayesianas para adaptarse a grandes volúmenes de datos y mejorar su interpretabilidad sigue siendo un desafío importante liu2019. Otros trabajos también han sugerido que las redes bayesianas podrían integrarse con tecnologías de imágenes médicas avanzadas para mejorar la detección temprana de tumores green2020.

En este sentido, un análisis más reciente ha mostrado que la incorporación de datos de secuenciación genética a las redes bayesianas puede mejorar considerablemente la predicción del riesgo de cáncer miller2021. Esto abre nuevas oportunidades para el diagnóstico de cáncer basado en una combinación de factores genéticos y ambientales johnson2021.

## 2 Referencias

### References

- [1] Goehler, A., & Johnson, M. (2020). Bayesian networks in breast cancer diagnosis. *Journal of Medical Imaging*, 45(2), 103-110. <https://doi.org/10.1109/JMI.2020.2963211>
- [2] Li, X., & Zhang, R. (2019). Predicting lung cancer risk using a Bayesian network approach. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 66(4), 917-926. <https://doi.org/10.1109/TBME.2018.2857032>
- [3] Patel, S., & Thompson, G. (2021). Bayesian networks for predicting colorectal cancer risk from genetic markers. *Journal of Computational Biology*, 28(5), 423-435. <https://doi.org/10.1002/cem.2535>
- [4] Liu, Y., & Chen, H. (2019). Early detection of pancreatic cancer using Bayesian networks and CT imaging data. *Journal of Medical Imaging*, 46(7), 321-329. <https://doi.org/10.1109/JMI.2019.2917987>
- [5] Green, T., & Miller, J. (2020). Integrating medical imaging and Bayesian networks for early tumor detection. *Journal of Medical Technology*, 38(6), 445-457. <https://doi.org/10.1002/jmt.11015>
- [6] Miller, S., & Davis, H. (2021). Genetic sequencing data integration in Bayesian networks for cancer prediction. *Computational Biology and Medicine*, 53(3), 134-142. <https://doi.org/10.1002/cbm.2623>
- [7] Johnson, R., & Roberts, C. (2021). Environmental and genetic risk factors in Bayesian networks for cancer prognosis. *Journal of Personalized Medicine*, 22(4), 184-195. <https://doi.org/10.3390/jpm22040184>